

発生情報科学特論

2 単位 (選択) 1 年 (前期)

真壁 和裕・教授/地域科学専攻 (博士前期課程) 環境共生, 渡部 稔・准教授/地域科学専攻 (博士前期課程) 環境共生

【授業目的】さまざまな生命現象におけるゲノムの機能を知るための科学的技術を学ぶ。

【授業概要】多様な生物のゲノム構造が明らかにされてデータベース化されるなか、遺伝情報の完全解読のために必要な塩基配列データと機能解析データに関する考察を行う。(オムニバス方式/全 15 回) (真壁和裕/8 回) 塩基配列データのハンドリングに関して原理および最新の技術を学び、さらに遺伝子発現情報に関する知見と技術を学ぶ。(渡部稔/8 回) 遺伝子の塩基配列のデータから推定されるアミノ酸配列を用い、相同性検索などによりもとの遺伝子の機能を予測する方法論について学ぶ。

【キーワード】ゲノミクス, プロテオミクス, バイオインフォマティクス, 相同性検索, モデル生物

【先行科目】『発生学』(1.0), 『細胞制御学』(1.0), 『分子生物学』(1.0), 『代謝異常学』(1.0)

【関連科目】『比較生理生化学』(0.5), 『生物化学』(0.5)

【到達目標】ゲノム機能を解析する現代的な手法の原理と実際の方法を具体的な事例に基づいて学び、大量情報を扱うデータベースの利用の理解に至ることを目標とする。

【授業計画】

1. ゲノム配列の定義とドラフト配列 (真壁)
2. ゲノム配列の獲得と解析技術 (真壁)
3. ゲノム進化と生命科学研究 (真壁)
4. 環境による変異と発生的表現型 (真壁)
5. ゲノム発現情報の網羅的解析 (真壁)
6. ゲノム機能解析とプロテオミクス (真壁)
7. ゲノムの組換え技術と産業・医学への応用技術 (真壁)
8. ゲノム研究の展望 (真壁)
9. ゲノム情報の取扱い (渡部)
10. EST データ解析 (渡部)
11. 相同性検索 (渡部)
12. モデル生物のゲノム解析 (渡部)
13. 非モデル生物のゲノム解析 (渡部)
14. アミノ酸配列とタンパク質の機能相関 (渡部)
15. 新規タンパク質の機能予測 (渡部)

16. 総括授業 (渡部)

【成績評価】出席状況および授業への参加態度により評価する。

【再試験】行わない。

【教科書】Campbell & Heyer 「ゲノミクス・プロテオミクス・バイオインフォマティクス入門」オーム社

【参考書】菅原秀明編集「あなたにも役立つ バイオインフォマティクス」共立出版

【授業コンテンツ】<http://cms.db.tokushima-u.ac.jp/cgi-bin/toURL?EID=218179>

【連絡先】

⇒ 真壁 (N3220, 088-656-7269,)

⇒ 渡部 (088-656-7253, minoru@ias.tokushima-u.ac.jp) MAIL